

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ПОЛИМОРФИЗМА МИКРОСАТТЕЛИТНЫХ ЛОКУСОВ ПРИРОДНЫХ ПОПУЛЯЦИЙ TARAXACUM OFFICIONALE СЕВЕРНОГО КАВКАЗА

COMPARATIVE ANALYSIS OF POLYMORPHISM OF MICROSATTELETE LOCUS IN NATURAL POPULATIONS OF TARAXACUM OFFICIONALE IN THE NORTHERN CAUCASUS

P. Dzhambetova
Z. Bisultanova
F. Dreeva
N. Reutova
M. Atsaeva

Summary. Objective. To assess the genetic diversity of *T. officinale* Wigg.S.L. populations of the Chechen Republic (CR) and the Kabardino-Balkarian Republic (KBR) at different heights above the sea level (n. a. m.) by comparing SSR profiles.

Methods. Microsatellite (SSR) genotyping of genomic DNA of 48 *T. officinale* samples from 10 populations using 12 TKS primers developed for *T. officinale* was performed.

Results. 40 SSR loci were found, ranging in size from 110 to 1200 bp. A high level of polymorphism of 5 populations of *T. officinale* from the CR was revealed at an altitude of 800–950 m. n. m. (74.3%) and low at an altitude of 2000–2200 m. n. m. The level of polymorphism of populations of *T. officinale* CBD decreased from 68.7% to 9.7% with an increase in altitude above sea level. The degree of polymorphism of lowland samples is higher than that of mountain populations. The degree of genetic divergence between *T. officinale* CR and CBD samples is shown. A low level of polymorphism of *T. officinale* of the Elbrus region was noted in comparison with plants of the mountainous territories of the Czech Republic.

Conclusions. High genetic variability was revealed in lowland *Taraxacum* populations. All 12 TKS primers used in the course of work can be used for marking *T. officinale*.

Keywords: genetic variability, *Taraxacum officinale*, population, microsatellite genotyping, North Caucasus.

Джамбетова Петимат Махмудовна

Профессор, Чеченский государственный университет им. А.А. Кадырова
petimat-ig@rambler.ru

Бисултанова Зура Исановна

Старший преподаватель, Чеченский государственный университет им. А.А. Кадырова
zura_sun@mail.ru

Дреева Фатима Робертовна

Н.с., ФНЦ «Кабардино-Балкарский научный центр Российской академии наук»
f.dreeva@mail.ru

Реутова Нина Васильевна

В.н.с., ФНЦ «Кабардино-Балкарский научный центр Российской академии наук»
reutova371@mail.ru

Ацаева Марет Махмудовна

Доцент, Чеченский государственный университет им. А.А. Кадырова
acaeva-mm@mail.ru

Аннотация. Цель. Оценка генетического разнообразия популяций *T. officinale* Wigg.S.L. Чеченской Республики (ЧР) и Кабардино-Балкарской Республики (КБР) на разной высоте над уровнем моря (н. у. м.) путем сравнения профилей SSR.

Методы. Проводилось микросателлитное (SSR) генотипирование геномной ДНК 48 образцов *T. officinale* из 10 популяций по 12 праймерам TKS, разработанных для *T. officinale*.

Результаты. Обнаружено 40 SSR-локусов, размером от 110 до 1200 п. н. Выявлен высокий уровень полиморфизма 5 популяций *T. officinale* из ЧР на высоте 800–950 м. н. у. м. (74,3%) и низкий на высоте 2000–2200 м. н. у. м. Уровень полиморфизма популяций *T. officinale* КБР снизился с 68,7% до 9,7% при увеличении высоты над уровнем моря. Степень полиморфности низинных образцов выше, чем у горных популяций. Показана степень генетической дивергенции между образцами *T. officinale* ЧР и КБР. Отмечен низкий уровень полиморфизма *T. officinale* Приэльбрусья по сравнению с растениями горных территорий ЧР.

Выводы. Выявлена высокая генетическая изменчивость в низинных популяциях *Taraxacum*. Все 12 использованных в ходе работы праймеров TKS могут быть применены для маркирования *T. officinale*.

Ключевые слова: генетическая изменчивость, *Taraxacum officinale*, популяция, микросателлитное генотипирование, Северный Кавказ.

Введение

Род *Taraxacum* является одной из сложных категорий сложноцветных по морфологии и таксономии. В настоящее время во всем мире натурализовано около 3000 видов *Taraxacum* [20]. Растения рода *Taraxacum* пользуется широкой популярностью во всем мире, в первую очередь, в связи с полезным фармакологическим профилем. Они содержат целый спектр соединений, обладающих фармакологической активностью: различные фитостерины, ароматизаторы и фенольные соединения, такие как таракастерол, стигмастерол, цикориевая кислота, кофейная кислота и скополетин [6]. Листья и корни многих видов *Taraxacum* богаты витамином А, В, С, D и Е, инозитолом, лецитином и минералами, среди которых железо, магний, натрий, кальций и др., и считаются надежным источником пищи с хорошим питательным потенциалом [20, 21, 22]. В корнях некоторых видов *Taraxacum* (*Taraxacum hybernum* Steven) содержится каучук, разработка которого, в последнее время, ведется интенсивными темпами [1]. Растения *Taraxacum officinale* оказались чувствительными и удобными объектами для изучения генетической безопасности антропогенных факторов окружающей среды [3]. Во многих странах, в частности, в России, Индии и Китае *Taraxacum officinale*, (Одуванчик лекарственный) нашел употребление как народное лекарство из-за его печеночных и гипергликемических свойств. А в Турции и Мексике используется для контроля сахарного диабета второго типа [22].

Вместе с тем, исследования показывают, что существует внутренняя корреляция между метаболическим фенотипом и генетическим разнообразием растений [1]. Кроме того, глобальные экологические проблемы, обусловленные потеплением климата и высокой антропогенной нагрузкой, серьезно влияют на биологическую продуктивность растений. В связи с этим, оценка генетической изменчивости и структуры природных популяций *Taraxacum* является одним из важнейших элементов стратегий эффективного и устойчивого использования генетических ресурсов лекарственного растения, а также сохранения и воссоздания фитоценозов.

Быструю, точную и эффективную оценку генетической изменчивости обеспечивают молекулярные маркеры на основе ДНК, которые стали универсальным инструментом оценки генетической стабильности или разнообразия растений. В настоящее время для молекулярной характеристики растений используют маркеры ISSR (амплификация между SSR) [1, 2], AFLP (полиморфизм длины амплифицированного фрагмента) [19], RFLP (полиморфизм длины рестриционного

фрагмента) [15] и RAPD (случайно амплифицированная полиморфная ДНК) [11]. Маркеры SSR, также называемые микросателлитами, короткими tandemными повторами (STR) или микросателлитными сайтами с мечеными последовательностями (STMS) представляют собой группы tandemных повторов из 1–6 нуклеотидов, которые в избытке присутствуют в геноме различных таксонов [8]. Так как микросателлиты многочисленны по всему геному, праймеры SSR отжигаются в нескольких областях, обеспечивая амплификацию фрагментов, часто полиморфных у разных индивидумов [10].

Генетическое разнообразие *Taraxacum* широко изучалось в ряде исследований [4, 5, 7, 12, 18] и в разных географических областях показывает довольно высокую степень межвидового и внутривидового полиморфизма у исследованных растений [22]. В данном исследовании мы оцениваем уровень и организацию генетического разнообразия и родства различных популяций вида *Taraxacum officinale* Wigg. S. L., произрастающих в горных и равнинных областях двух северокавказских регионов, Чеченской Республики (ЧР) и Кабардино-Балкарской Республики (КБР), используя маркеры SSR, путем сравнения профилей SSR.

Материал и методы

Растительный материал. Объектом настоящего исследования явился широко распространенный представитель рода *Taraxacum* Одуванчик лекарственный (*Taraxacum officinale* Wigg. S. L.). Образцы Одуванчика лекарственного были собраны с 10 различных географических точек ЧР и КБР. В Чеченской Республике одуванчик собирали вдоль Веденского ущелья: высота 350, 470, 850, 950 м над уровнем моря, на южном склоне Андийского хребта: высота 1745, 1890, 2020 и 2150 м над уровнем моря и в окрестностях г. Грозный (высота 130 м над уровнем моря). Кабардино-балкарские образцы были собраны в Приэльбрусье на высотах 1300, 1800, 2700 и 3000 м над уровнем моря, а также на равнинных территориях (200 и 400 м над уровнем моря). Географическое расположение собранных образцов показано на рис. 1. С каждого участка было использовано не менее трех растений. Всего в анализ SSR было включено 20 и 28 образцов 11 популяций на территории ЧР и КБР, соответственно (табл. 1).

Морфологические различия между исследованными растениями не наблюдались.

Для микросателлитного (SSR) генотипирования мы использовали 12 опубликованных микросателлитных праймеров TKS [1], разработанных для *T. officinale* agg. (sect. *Taraxacum* (табл. 2.).

Таблица 1. Географическое расположение

№ п/п	Номер популяции	Место локализации	Кол-во	Высота, метров над уровнем
Чеченская Республика				
1	Популяция № 1	запад г. Грозный	3	130–150
2	Популяция № 2	окрестности с. Сержень-Юрт	5	350–450
3	Популяция № 3	окрестности с. Ведено	4	850–950
4	Популяция № 4	восточный берег оз. Казеной-Ам	4	1745–1890
5	Популяция № 5	южный склон г. Кашкерлам	4	2020–2150
Кабардино-Балкарская Республика				
6	Популяция № 1	окрестности с. Пришиб	4	200
7	Популяция № 2	Баксанское ущелье, станция Комплекс Алапат	6	1300
8	Популяция № 3	Баксанское ущелье, гостиница Иткол	6	2000
9	Популяция № 4	Баксанское ущелье, г. Чегет вторая (средняя) станция	4	2700
10	Популяция № 5	Баксанское ущелье, Г. Чегет, третья (верхняя) станция	8	3000
		Итого:	28	

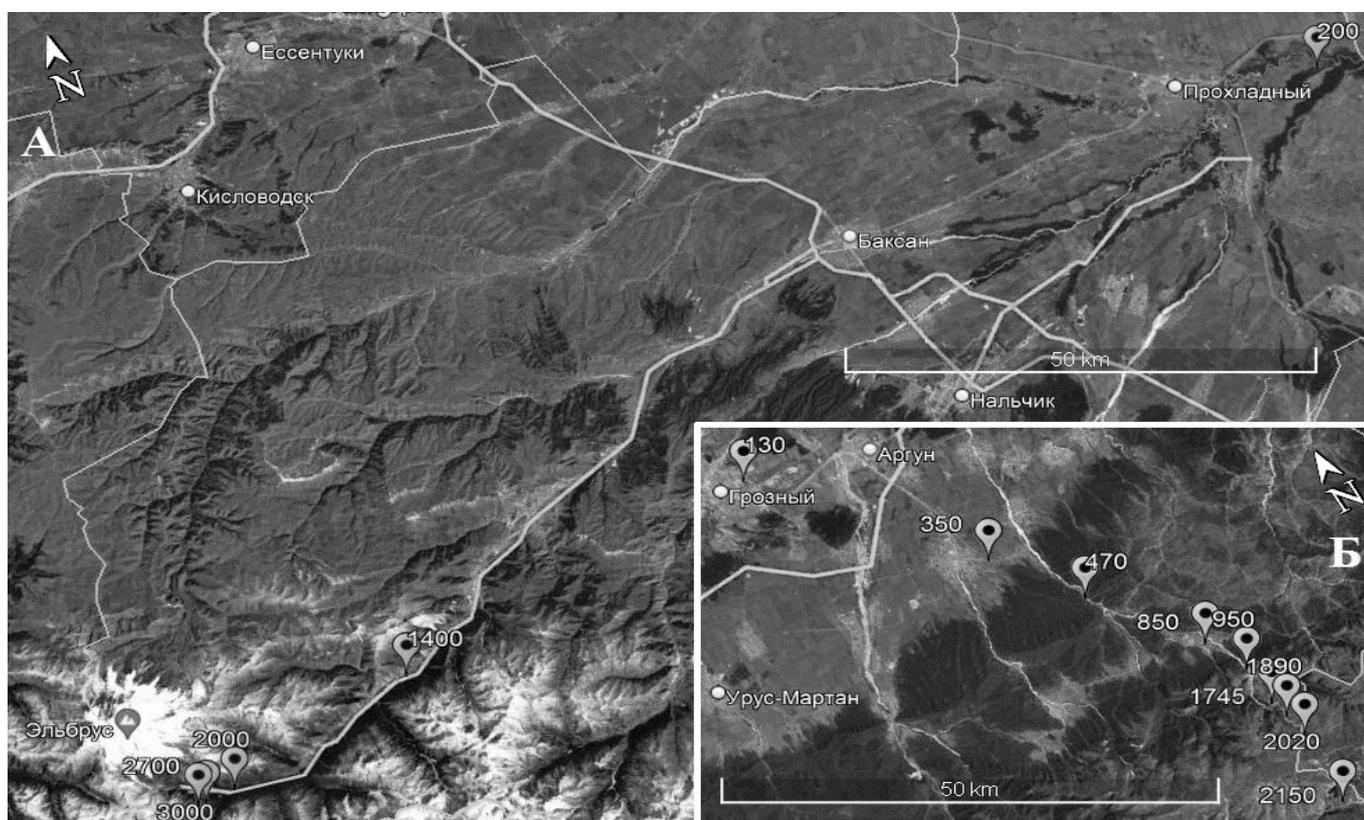


Рис. 1. Расположение пунктов отбора проб (А — на территории Кабардино-Балкарской Республики; Б — на территории Чеченской Республики).

Таблица 2. Характеристика микросателлитных SSR праймеров [1]

Нуклеотидная последовательность	Название праймера	Температура отжига, °C	Размер фрагментов ДНК
TCACCGAGTTGTAGAGAGAGA	TKS_003 _F*	55	200
CAGCAATTAAGGCTCTGTAAA	TKS_003 _R**		
GCTCTCATAATAAGAACCCAGA	TKS_0025 F		280
ATACCGTGGTGAGCATAAATA	TKS_0025 R		
AGTTTCTCTAGAGCTCGATCC	TKS_0085 F		160
TGTAAAGAATCAAACGAATGG	TKS_0085 R		
GCAAGTTTGCACCAGTTT	TKS_0091F		170
GTTATTTGTTAACCCATTCCA	TKS_0091R		
AAGATGTAATGCTTGGAAAGA	TKS_0097 F		250
AACACAAGCCAAACAATAAC	TKS_0097R		
ACCTTGGAGACGAAAGTAAT	TKS_0105 F		170
CAACTCTAACAAGAGCGACAC	TKS_0105 R		
GAACCGTGATACAAGCATAAA	TKS_0107F		230
CATCTCCATTGTTGTCCATAC	TKS_0107R		
GGCTGATCAAGAGTACTGTCC	TKS_0110 F		170
TTATATGGGAATATACCGGAAG	TKS_0110 R		
ATCTACAACAAGTTCGTGAGG	TKS_0111 F		180
AATCAACTGGATTCTTAGGG	TKS_0111 R		
ACAGGAGTTGATGTCTTGATG	TKS_0112 F		150
ATTGAATCATTAACCGTCAGA	TKS_0112 R		
CCAAGACCTTACAATCGTTA	TKS_0113 F	300	
ATCTTCGGAGTAGTGGATTGA	TKS_0113 R		
CCGATAACCGTAGTCAGATAA	TKS_0177 F	200	
CTTCTTCTCGTCCTCTCAT	TKS_0177 R		

F* — прямой праймер; R** — обратный праймер

Таблица 3. Генетический полиморфизм одуванчика лекарственного (*Taraxacum officinale* Wigg. S. L.).

Наименование праймеров	Кол-во ампликонов	Число полиморфных маркеров	Кол-во ампликонов	Число полиморфных маркеров	Размер общего ампликлона	Размер маркера
	ЧР		КБР			
TKS_003	11	10	7	6	200	180–600
TKS_0025	2	1	4	3	280	280–1200
TKS_0085	16	15	3	2	160	100–600
TKS_0091	10	9	13	12	170	120–1200
TKS_0097	10	9	4	3	250	150–600
TKS_0105	9	8	8	7	170	110–1100
TKS_0107	6	5	1	0	230	230–700
TKS_0110	5	4	4	3	170	170–600
TKS_0111	13	12	6	5	180	100–1100
TKS_0112	8	7	6	5	150	150–1100
TKS_0113	13	12	8	7	300	240–600
TKS_0177	10	9	9	8	200	100–600

Таблица 4. Последовательность праймеров, общее количество продуктов амплификации и количество полиморфных локусов, полученных с использованием 12 пар SSR-праймеров для всех 20 образцов (*Taraxacum officinale* Wigg. S. L.) из ЧР.

Наименование праймеров	Общее количество ампликонов					Количество полиморфных маркеров					Доля полиморфизма (%)				
	№ 1	№ 2	№ 3	№ 4	№ 5	№ 1	№ 2	№ 3	№ 4	№ 5	№ 1	№ 2	№ 3	№ 4	№ 5
TKS_003	4	5	1	5	1	2	4	0	3	0	50,0	80,0	0	60,0	0
TKS_0025	1	2	2	2	2	0	1	1	1	0	0	50,0	50	50,0	0
TKS_0085	6	7	5	7	2	5	6	4	5	1	83,3	85,7	80	71,4	50,0
TKS_0091	5	4	7	2	1	4	3	6	1	0	80,0	75,0	85,7	50,0	0
TKS_0097	1	7	4	7	1	0	6	2	6	0	0	85,7	50,0	85,7	0
TKS_0105	5	4	6	4	1	3	3	5	3	0	60,0	75,0	83,3	75,0	0
TKS_0107	2	2	1	1	2	1	1	0	0	1	50,0	50,0	0	0	50,0
TKS_0110	1	4	3	3	1	0	3	1	2	0	0	75,0	33,3	66,7	0
TKS_0111	6	3	3	5	2	4	2	2	4	1	66,7	66,7	66,7	80,0	50,0
TKS_0112	2	5	1	1	2	1	4	0	0	1	50,0	80,0	0	0	50,0
TKS_0113	6	7	1	4	1	4	6	0	3	0	66,7	85,7	0	75,0	0
TKS_0177	4	6	5	6	4	2	5	4	5	1	50,0	83,3	80,0	83,3	25,0
Итого	43	56	39	47	20	26	44	25	33	5	46,4	74,3	44,1	58,1	18,7

Таблица 5. Последовательность праймеров, общее количество продуктов амплификации и количество полиморфных локусов, полученных с использованием 12 пар SSR-праймеров для всех 20 образцов (*Taraxacum officinale* Wigg. S. L.) из КБР.

Наименование праймеров	Общее количество ампликонов						Количество полиморфных маркеров						Доля полиморфизма (%)						
	№ 1	№ 2	№ 3	№ 4	№ 5	№ 6	№ 1	№ 2	№ 3	№ 4	№ 5	№ 6	№ 1	№ 2	№ 3	№ 4	№ 5	№ 6	
TKS_003	1	1	1	1	1	7	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	85,7
TKS_0025	1	1	1	1	1	4	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	75,0
TKS_0085	3	3	1	3	1	1	2	2	0	2	0	0	66,7	66,7	0	66,7	0	0	0
TKS_0091	1	2	4	1	1	11	0	1	3	0	0	10	0	50,0	75,0	0	0	0	90,9
TKS_0097	3	1	1	2	1	4	2	0	0	1	0	3	66,7	0	0	50,0	0	0	75,0
TKS_0105	2	1	1	1	2	9	1	0	0	0	1	5	50,0	0	0	0	50,0	0	55,5
TKS_0107	1	1	1	1	1	3	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	66,7
TKS_0110	3	1	1	1	1	4	2	0	0	0	0	3	66,7	0	0	0	0	0	75,0
TKS_0111	1	1	1	1	3	6	0	0	0	0	2	5	0	0	0	0	66,7	0	83,3
TKS_0112	2	1	1	1	2	6	1	0	0	0	1	5	50,0	0	0	0	50,0	0	83,3
TKS_0113	3	1	2	4	1	6	2	0	1	3	0	4	66,7	0	50,0	75,0	0	0	66,7
TKS_0177	3	1	1	1	3	9	2	0	0	0	2	6	66,7	0	0	0	66,7	0	66,7
Итого	24	15	16	18	18	74	12	3	4	6	6	56	36,1	9,7	10,4	15,9	19,4	0	68,7

*Номерами 1–6 обозначены исследованные популяции

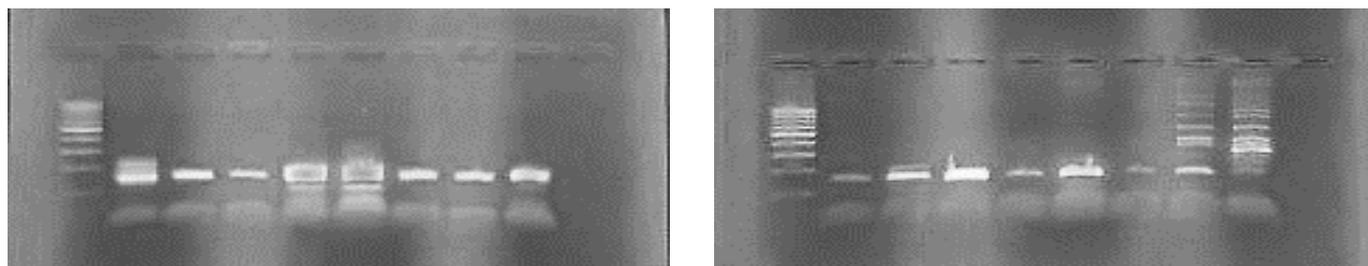


Рис. 2. Профили электрофореза SSR, продуцированные праймером TKS-0091 для 16 образцов *Taraxacum officinale* (1–14 растений (КБР) с высоты 2700–3000 м н.у.м., 15–16 (КБР) (отмечены стрелкой) с высоты 250–300 м н.у.м.). Продукты амплификации разделяли на агарозных гелях (2%) в буфере 10xTBE. Дорожка маркер: шаг 100 kb

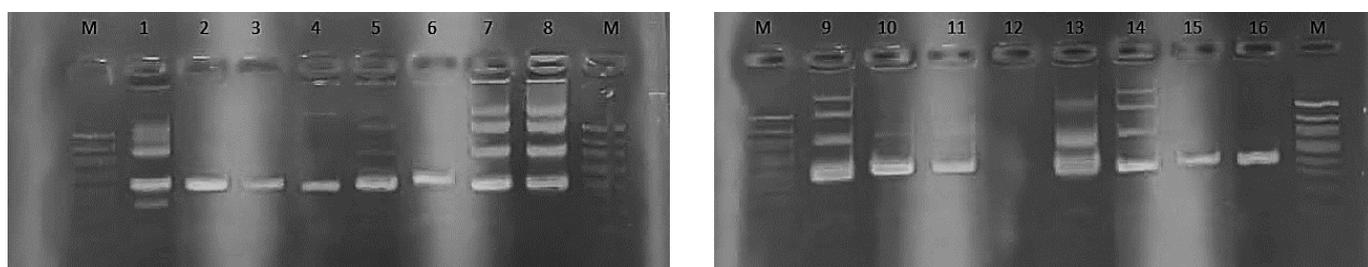


Рис. 3. Электрофореграмма результатов амплификации с использованием праймера TKS-0177. 1 и 2 — образцы, собранные на высоте 350 м н.у.м. (ЧР); 3–6 — высота 200 м над у.м (КБР); 7–9 — образцы, собранные на высоте 300–400 м н.у.м. (ЧР); 10–14–800–950 м н.у.м. (ЧР); 15–16 — образцы, собранные на высоте 1300 м н.у.м. в Баксанском ущелье (КБР).

Геномную ДНК выделяли из свежих и сухих листьев Одуванчика лекарственного, используя наборы Qiagen DNeasy Plant Mini Kit и DNeasy Plant Pro Kit (Qiagen, Германия), следуя инструкциям производителя. Для ПЦР использовали готовые коровые наборы (ООО «Галарт-Диагностикум», Isogen Lab. Ltd). В мастер-миксы вносили по 10 мкл ПЦР-растворителя и по 0,5 мкл каждого праймера. На конечном этапе приготовления реакционной смеси вносили по 1 мкл ДНК-проб. Объем реакционной смеси для ПЦР составлял 20 мкл. Условия ПЦР были следующими: 94 °C в течение 3 мин (горячий старт полимеразы ПЦР), затем 35 циклов 94 °C в течение 40 сек., 55 °C в течение 40 сек. и 72 °C в течение 40 сек. и, наконец, синтез при 72 °C в течение 5 мин и хранение при 4 °C. Полиморфизм оценивали горизонтальным электрофорезом в 2% агарозном геле с добавлением красителя бромистый этидий (МГУ, Laboratory building "А", Москва). Электрофорез проводили в электрофорезных камерах SE-1 (Россия). Визуализировали аллели в проходящем ультрафиолете с помощью трансиллюминатора (Vilber Lourmat, Франция). Количество выделенной геномной ДНК оценивали, используя набор Qubit dsDNA HS Assay Kit, 100 assay (USA) с помощью флуориметра Qubit 3,0 (Thermo Fisher Scientific, США).

Длину фрагментов оценивали при помощи маркера молекулярной массы 50+DNA Ladder (Евроген, Россия)

Генетическое различие оценивалось на основе коэффициента Жаккара (Jaccard, 1901) с использованием данных SSR-праймеров. Интерпретацию образцов полос, демонстрируемых гелями, выполняли как наличие (1) и отсутствие полос (0) для каждого относительного положения. Отсутствие продукта амплификации использовали в качестве критерия для рассмотрения маркера, как полиморфного.

Результаты и обсуждение

Определение внутривидового полиморфизма *Taraxacum officinale* проводилось с использованием 48 образцов, произрастающих на разной высоте над уровнем моря (от 130 до 3000 м) с использованием маркеров SSR. Двенадцать праймеров для которых были отмечены четкие профили применения в аналогичных исследованиях [1], были выбраны нами для фингерпринтинга всех образцов. Все используемые праймеры эффективно обеспечивали амплификацию специфических и воспроизводимых наборов SSR — продуктов, включающих

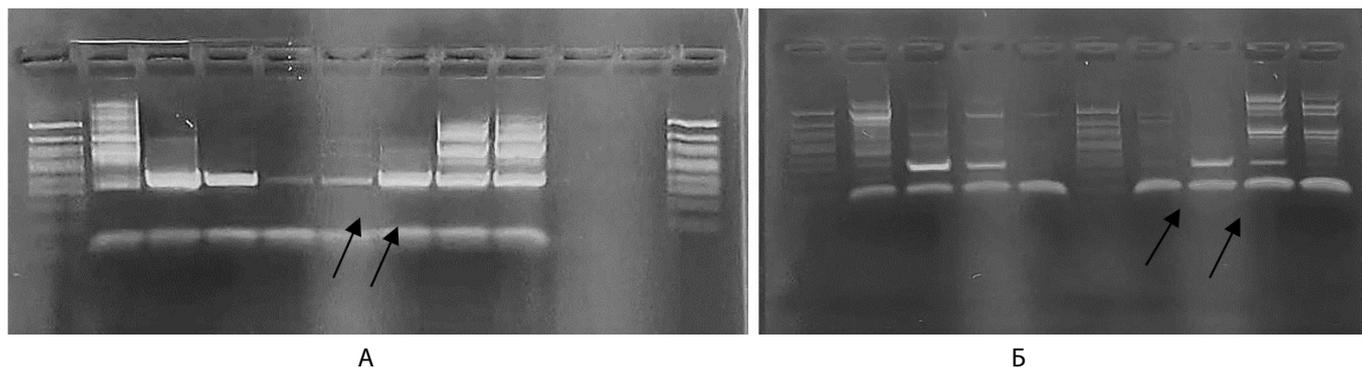


Рис. 4. Профили электрофореза SSR (А - TKS-0003; Б — TKS-0025) для 8 образцов *Taraxacum officinale* (два последних профиля (отмечены стрелками принадлежат образцам одуванчика из одной популяции (высота 470 м над уровнем моря)

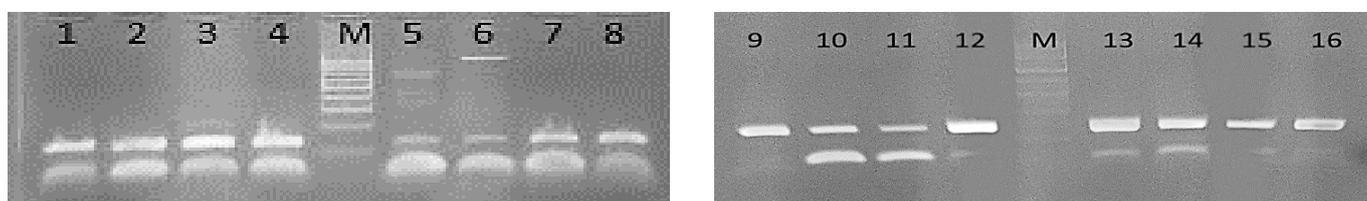


Рис. 5. Профили электрофореза SSR (праймер TKS-0112) для 16 образцов *Taraxacum officinale*. Образцы под номерами 3–6 принадлежат популяции, расположенной на высоте 850–950 м н.у.м., ЧР; 7–16 профили популяций Приэльбрусья (высота 1300–1800 м н.у.м.).

один общий для каждого праймера и уникальные для каждой популяции *Taraxacum* ампликоны. Последние различались по количеству, размерам и степени выраженности.

Всего было обнаружено 40 SSR-локусов. Размер продукта ПЦР варьировал от 110 до 1200 п.н. Средняя частота локусов «чеченских» образцов составила 9 локусов на пару праймеров, варьируя от 2 до 16 локусов. Для растений, собранных на территории КБР, эти показатели составили 6 локусов в среднем на пару праймеров, с вариацией от 1 до 13. При этом наибольшее число ампликонов было получено у равнинных образцов (200–300 м над уровнем моря) от 1 до 11 (рис. 2), в то время как образцы, собранные в горах Приэльбрусья (1300–3000 м над уровнем моря) были в основном мономорфны (рис. 2, 3, 4, 5). Основные показатели разнообразия для популяций ЧР и КБР, состоящих не менее чем из 3 особей, приведены в таблице 3. Полиморфность варьировала от 0% до 93,7%.

Анализ показал, что внутривидовой полиморфизм, доступный для разных молекулярных маркеров, низок при сравнении образцов разных популяций вида. Среди 12 использованных пар праймеров SSR TKS — 0085 давал наибольшее количество амплифицированных

полос (16 из 40 амплифицированных полос), а праймеры TKS — 0025, TKS — 0107, TKS — 0112 (рис. 5) отжигали от 1 до 2 (в одном случае 4) фрагментов.

Результаты анализа внутривидового полиморфизма, полученные для 5 популяций *Taraxacum officinale* из Чеченской Республики, показаны в таблице 4. Наибольший уровень полиморфизма показан для растений, растущих на высоте 800–950 м над уровнем моря (74,3%) и наименее полиморфными оказались растения с высоты 2000–2200 м над уровнем моря.

Уровень обнаруженного полиморфизма популяций одуванчика лекарственного из КБР оказался низким по сравнению с результатами, полученными для популяций ЧР: с 68,7% для популяции одуванчика, собранного на высоте 300 м над уровнем моря до 9,7% для популяции одуванчика, растущего на высоте 1300 м над уровнем моря. При этом доля полиморфности у низинных образцов (№ 1 (высота 200 м над уровнем моря) и № 6 (высота 300–400 м над уровнем моря) была выше, чем у горных популяций (№ 2–5) (табл. 5).

На основе коэффициента сходства Жаккарда была сформирована матрица генетического сходства. Интересно, что размеры общих SSR-локусов, отжигаемого

каждой из 11 пар использованных праймеров, одного из образцов равнинного одуванчика лекарственного (ЧР), по морфологическим признакам полностью соответствующему описанию одуванчика лекарственного существенного отличались (образец 1 на рис. 4), что, вероятнее всего, связаны с тем, что мы здесь имеем дело с другим видом растений. Таким образом, важно для определения вида обязательно использовать генетический анализ. Возможно, в будущем он будет преобразована в стандартную процедуру классификации и будет использоваться для определения эффективных стратегий устойчивого управления генетическими ресурсами растений.

Заключение

Информация о взаимоотношениях между популяциями, полученная на основе анализа изменчивости, распространения и морфологии микросателлитов (SSR), в результате этого исследования, не дает полного представления о генетическом разнообразии между популяциями и внутри популяций на территории Северного Кавказа. Уровень обнаруженного полиморфизма был низким по сравнению с результатами, полученными для других видов [13]. С другой стороны, показана степень генетической дивергенции, обнаруженная между образцами *T. officinale* ЧР

и КБР с использованием SSR- маркеров, заключающаяся практически в отсутствии полиморфизма у растений Приэльбрусья по сравнению с растениями горных областей ЧР. Результаты показывают влияние на изменчивость *Taraxacum* высоты над уровнем моря, что позволяет предположить изоляцию среди исследованных популяций. Различия от среды обитания для дикорастущей флоры были обнаружены в более ранних исследованиях *Camellia sinensis*, *Arachis hypogaea*, рода *Cotoneaster* [9, 17]. В нашем исследовании показано различие между популяциями одуванчика лекарственного различных природно-климатических зон, при этом генетическая изменчивость в низинных популяциях *Taraxacum* оказалась высокой.

Таким образом, все 12 использованных в ходе работы праймеров ТКС можно рассматривать в качестве молекулярно-генетических маркеров, которые могут служить для создания генетического профиля одуванчика лекарственного, насыщения генетических карт. Однако, применение обнаруженных полиморфных продуктов в перечисленных целях, станет возможным только после дополнительного молекулярно-генетического анализа большего числа образцов для подтверждения воспроизводимости наблюдаемых картин и, в случае необходимости, подбора условий, необходимых для воспроизводимости.

ЛИТЕРАТУРА

1. Молекулярно-генетическое исследование одуванчика осеннего (*Taraxacum hybernum* Steven) с использованием SSR-, RAPD- и ISSR-маркеров /Б.Р.Кулуев, А.В. Фатерыга, А.Р. Кулуев, Е.В. Михайлова, А.В. Чемерис // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2018. № 22(1) P.102–107
2. Нигматуллина Н.В., Кулуев А.Р., Кулуев Б.Р. Молекулярные маркеры, применяемые для определения генетического разнообразия и видоидентификации дикорастущих растений /Биомика. 2018. Том 10. № 3. С. 290–318
3. Реутова Н.В., Джамбетова П.М. Одуванчик лекарственный (*Taraxacum officinale* Wigg. S.L.) как удобный объект для генетического мониторинга загрязнения окружающей среды. / Экологическая генетика. 2006. Т. 4. № 3. С. 3–6
4. Ahn, Y.H., D.S. Park, K.H. Chung. Analysis of genetic relationship among native *Taraxacum* and naturalized *Taraxacum* species using RAPD. //Environment Ecol. 2003. 17(2). P. 169–176.
5. Ahn, Y.H., K.H. Chung. Analysis of genetic variance among *Taraxacum officinale* growing in each populated areas using RAPD. //Environment and Ecol. 2003. 17(1). P. 27–31.
6. An overview of therapeutic Potentials of *taraxacum officinale* (dandelion): a traditionally valuable herb with a reach historical background. / Jalili C., M. Taghadosi, M. Pazhouhi, F. Bahremand, S.S. Miraghaee, D. Pourmand. //WCRI. 2020. № 7. P.1–19
7. Christoph R. Molecular differentiation between coexisting species of *Taraxacum* sect. *Erythrosperma* (Asteraceae) from populations in south-east and West Germany. //Linnean Soc. 2004. № 142(1). P.109–117.
8. DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. / Nadeem M.A., M.A. Nawaz, M.Q. Shahid, Y. Doğan, G. Comertpay, M. Yıldız, R. Hatipoğlu, F. Ahmad, A. Alsaleh, N. Labhane, H. Özkan, G. Chung, F. Sh. Baloch. // Biotechnology & Biotechnological Equipment. 2018. № 32(2). P. 261–285. doi: 10.1080/13102818.2017.1400401
9. Genetic Diversity Assessment and Phylogenetic Analysis of Peanut (*Arachis hypogaea* L.) in RDA Genebank Collection using SSRs. / Jung-Yoon Y, Lee G, Lee J-R, Myung-Chul Kang, Man-Jung Baek, Hyung-Jin Kim, Chung-Kon. //Korean Journal of Plant Resources. 2011. 24. doi:10.7732/kjpr.2011.24.3.272
10. Guo-Liang J. Molecular Markers and Marker-Assisted Breeding in Plants. //Plant Breeding from Laboratories to Fields. //IntechOpen. 2013. doi.10.5772/52583.
11. Harisaranraj R., R. Prasitha, S. Saravana Babu (2008). Analysis of Inter-Species Relationships of *Ocimum* Species Using RAPD Markers. // Ethnobotanical Leaflets. 2008. № 12. — P.609–13.
12. Hulst R.G.M van D, Mes T.H.M., Den Nijs J.C.M. Amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers reveal that population structure of triploid dandelions (*Taraxacum officinale*) exhibits both clonality and recombination. //Molecul. Ecology. 2000. № 9. P.1–8.

13. ISSR variations in eggplant (*Solanum melongena* L.) and related *Solanum* species. Isshiki S, Nakamura I, Ureshino K, Mizanur Md, Khan R. // *Scientia Horticulturae*. 2008. № 117. P.186–190.
14. Jaihyunk Ryu, Chang-Hyu Bae. Genetic Diversity and Relationship Analysis of Genus *Taraxacum* Accessions Collected in Korea. // *Korean Journal of Plant Resources*. 2012. № 25(3). P.329–338.
15. Kesari, Vigya et al. Molecular marker-based characterization in candidate plus trees of *Pongamia pinnata*, a potential biodiesel legume. // *AoB PLANTS*. 2010. plq017. doi.org/10.1093/aobpla/plq017
16. Population genetic structure of the medicinal plant *Vitex rotundifolia* in China: implications for its use and conservation. / Hu Y, Zhu Y, Zhang QY, Xin HL, Qin LP, Lu BR, Rahman K, Zheng HC. // *J Integr Plant Biol*. 2008. № 50(9). P. 1118–29.
17. Population genetics of the rubber producing Russian dandelion (*Taraxacum kok-saghyz*). / McAssey E.V., Gudger E.G., Zuellig M.P., Burke J.M. // *PLoS ONE*. 2016. № 11(1). e0146417. doi.org/10.1371/journal.pone.0146417.
18. Ryu J.H., C.H. Bae. Genetic diversity and relationship analysis of *Taraxacum officinale* Weber and *Taraxacum coreanum* Nakai accessions based on inter-simple sequence repeats (ISSR) markers. // *Medicinal Crop Sci*. 2011. № 19(3). P.149–156.
19. Saini N., Jain N., Jain S. Assessment of genetic diversity within and among Basmati and non-Basmati rice varieties using AFLP, ISSR and SSR markers. // *Euphytica*. 2004. № 140. P. 133–146. https://doi.org/10.1007/s10681-004-2510-y
20. Shidfar M., S. Keskin, E.M. Khah. RAPD markers reveal genetic variation between *Cichorium spinosum* L. and *Taraxacum* sp.; a substantial medicinal plant of Greece. // *Progress in Nutrition*. 2018. № 20(1). P. 153–159 doi: 10.23751/pn.v20i1-5.5993
21. The effect of five *Taraxacum* species on in vitro and in vivo antioxidant and antiproliferative activity. / Mingarro D.M., Plaza A., Galán A., Vicente J.A., Martínez M.P., Acero N. // *Food & Function*. 2015. 6(8). 2787–2793.
22. Wirngo Fonyuy E et al. The Physiological Effects of Dandelion (*Taraxacum Officinale*) in Type 2 Diabetes. // *The review of diabetic studies: RDS*. 2016. № 13(2–3). P. 113–131

© Джамбетова Петимат Махмудовна (petimat-ig@rambler.ru), Бисултанова Зура Исановна (zura_sun@mail.ru),

Дреева Фатима Робертовна (f.dreeva@mail.ru), Реутова Нина Васильевна (reutova371@mail.ru),

Ацаева Марет Махмудовна (acaeva-mm@mail.ru).

Журнал «Современная наука: актуальные проблемы теории и практики»



Чеченский государственный университет им. А.А. Кадырова